

EGHMLVNILKQNNVNSEGCLFDKHARTALAFVTLKHADGEREFMFYRNPSADMILTEAELD
EGRMLAAILRDNQDDGGVVFDAGARTALAFVTLRADGEREFMFYRNPSADMILTHAELN
EGHMLAGILKENGVRADGINFDQGARTALAFVTLRADGEREFMFYRNPSADMILKPEEILN
EGHMLVEILKQNGVNAEGCLFDQHARTALAFVTLKSNGEREFMFYRNPSADMILTEAELN
EGHMLAGILKTNGVQAEGINFDKGARTALAFVTLRADGEREFMFYRNPSADMILTPAELN

LGLVRRAKVFHFGSISLISEPCRSAAKAGVLCYDNPVNRLPLWPSPLDAAREG
VELIKRAAVFHFGSISLIAEPCRSAAHLRAMEIAKEAGALLSYDPNLREALWPSREARTK
LELIRSAKVFHFGSISLIVEPCRSAAHLKAMEVAKESGCLLSSYDPNLRPLWPSAAEARKQ
LDLIRRARIFHFGSISLITEPCRSAAHVAATRAAKSAGILCSYDPNVRLLPLWPSQAARDG
LDLIRSAKVFHFGSISLIVEPCRAAHMKAMEVAKEAAGALLSYDPNLRPLWPSAAEAKKQ

SEQ ID NO:02	SEQ ID NO:06	SEQ ID NO:08	SEQ ID NO:12	SEQ ID NO:13
SEQ ID NO:02	SEQ ID NO:06	SEQ ID NO:08	SEQ ID NO:12	SEQ ID NO:13
SEQ ID NO:02	SEQ ID NO:06	SEQ ID NO:08	SEQ ID NO:12	SEQ ID NO:13
SEQ ID NO:02	SEQ ID NO:06	SEQ ID NO:08	SEQ ID NO:12	SEQ ID NO:13
SEQ ID NO:02	SEQ ID NO:06	SEQ ID NO:08	SEQ ID NO:12	SEQ ID NO:13

FIG. 1A

GSVPGEFKVDTGAGDAFVGSSLVNVAKDDDSIFHNNEEKLFREALKFESNACGAICTTCKKG
 GAVPVSYKVQQVQVDTTGAGDAFVGALLRRIVQDPSSLQDQKKLEEAIKFANACGAITATKKG
 GSVDASFHVNTVDTTGAGDSFVGALLAKIVDDQSILEDDEPRLREVLKFA
 GSVPGYSVNTVDTTGAGDAFVGSSLIVSVSKDDSIYNEAKLREVLOFSNACGAICTTCKKG
 GTVGGFHVKTIVDTTGAGDSFVGALLTKIVDDQTI
 301 360

SEQ	ID	NO:02
SEQ	ID	NO:06
SEQ	ID	NO:08
SEQ	ID	NO:12
SEQ	ID	NO:13

* * * * *
 AIPALPTVATAQDLIAKA-N
 AIPSLPTEVEVLKLM-ES-A
 AIPALPKEEAALKLI-KGGS
 AIPALPTTATALELLISKGSN
 AIPALPTASEALTLL-KGGA
 361 380

1 B
E.G.